



Diversidade genética de populações do suíno Monteiro (*Sus scrofa*) na região do Pantanal, MS, Brasil

Elizabete Cristina da Silva¹, Ubiratan Piovezan², Concepta Margaret McManus³, Alexandre Rodrigues Caetano⁴, Samuel Rezende Paiva⁴

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Ciências Animais/FAV-UnB, Brasília, DF – Brasil, Bolsista CAPES. e-mail: betezootec@gmail.com

²Pesquisador Embrapa Pantanal, Corumbá-MS, e-mail: piovezan@cpap.embrapa.br

³Professora do Departamento de Zootecnia– UFRGS, Porto Alegre, RS. Bolsista de Produtividade CNPq. e-mail: concepta.mcmanus@ufrgs.br

⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF – Brasil, Bolsistas de produtividade do CNPq. e-mail: alexandre.caetano@embrapa.br e samuel@cenargen.embrapa.br

Resumo^a: O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética de suínos monteiros do Pantanal brasileiro utilizando 19 microssatélites. Um total de 181 amostras de 11 pontos geográficos (PG1 a PG11) do Pantanal, MS foi utilizado. Os valores obtidos para o número de alelos (N_a) e Heterozygosidade esperada (H_e) foram maiores para o PG11 ($N_a = 6,21 \pm 0,39$; $0,70 \pm 0,03$). A H_e foi superior à média global ($0,64 \pm 0,05$) em 72,72% dos grupos no Pantanal. Quatro grupos (PG1, PG5, PG6 e PG7) apresentaram valores negativos para o índice de fixação (F). Os grupos PG1, PG4, PG6, PG7 e PG9 tenderam à diferenciação por uma análise de coordenadas principais que explicou 64,9% da variação genética entre os grupos de monteiros do Pantanal. O alto nível de diversidade genética ($H_e \geq 0,60$) observado nos oito grupos de suínos monteiros no Pantanal sugere que possa ser desenvolvido um programa de conservação genética deste grupo genético de forma a otimizar sua utilização sustentável no Pantanal.

Palavras-chave: Recursos Genéticos Animais, índice de fixação, microssatélites, Análises multivariadas

Genetic diversity of groups of Monteiro pig breed (*Sus scrofa*) originated from the Pantanal, MS, Brazil

Abstract: In this study we characterized the genetic diversity of the Brazilian Pantanal Monteiro pigs with 19 microsatellites. A total of 181 samples from 11 different geographical points (PG1 to PG11) from the Pantanal were used. The values for number alleles (N_a) and Expected Heterozygosity (H_e) were highest for PG11 ($N_a = 6.21 \pm 0.39$, 0.70 ± 0.03). H_e was higher than the global average (0.64 ± 0.05) in 72.72% of the Pantanal Monteiro groups. Four geographical groups (PG1, PG5, PG6 and PG7) showed negative values for the fixation index (F). The groups PG1, PG4, PG6, PG7 and PG9 tended to differentiate in the CPA analysis and three coordinates accounted for 64.9% of genetic variation between groups of Monteiro Pantaneiro. The high level of genetic diversity ($H_e \geq 0.60$) observed in eight geographical groups of pigs originating in the Pantanal suggests that they have potential for genetic conservation.

Keywords: animal genetic resources, fixation index, microsatellites, multivariate analyses

Introdução

A diversidade genética é o material bruto sobre o qual a seleção natural atua para permitir a adaptação e evolução dos organismos. A sua perda reduz o potencial evolutivo e reprodutivo das espécies e/ou populações (Berg e Hamrick, 1997; Frankham et al., 2008). A caça indiscriminada levanta a hipótese de que a população de suínos monteiros no Pantanal deve estar influenciada pela ação do homem e, portanto, alterações na sua diversidade genética são esperadas.

A preocupação com a perda de diversidade genética em suínos adaptados localmente no Brasil foi demonstrada nos trabalhos de Sollero et al. (2008) e Silva et al. (2011). Nestes trabalhos foram descritas metodologias que empregam marcadores microssatélites aliados às ferramentas estatísticas que demonstram se os parâmetros como polimorfismo, heterozygosidade média e diversidade alélica, que descrevem e quantificam a variação genética dentro e entre populações, estão sendo afetados. No presente estudo, 19 microssatélites foram utilizados para caracterizar a diversidade genética de suínos monteiros do Pantanal brasileiro, visando disponibilizar informações que contribuam para a conservação e melhoramento da espécie.

Material e Métodos

Um total de 189 amostras de DNA genômica de suínos monteiros foi utilizado neste estudo, do qual 181 provieram de Nhecolândia, sub-região do Pantanal brasileiro e oito de Brasília, DF (MOB). As amostras do Pantanal foram obtidas de 11 pontos geográficos (PG1 a PG11) identificados pelas coordenadas geográficas como demonstrados na Tabela 1.



Os 19 locos de microssatélites autossômicos (Figura 1) foram amplificados em um volume final de 5 μ L, utilizando o Kit *Qiagen Master Mix* para *PCR-multiplex*, segundo as recomendações do fabricante. Os fragmentos amplificados foram submetidos à eletroforese capilar em seqüenciador automático, *ABI Prism 3730* (*Applied Biosystems*), e os dados foram analisados com o software *GeneMapper v.4.1* (*Applied Biosystems*) para identificação dos genótipos de cada indivíduo.

Com o software *GenAlex v.6.4* (Peakall et al., 2006) foram obtidas as estimativas: número de alelos (Na), heterozigotidade observada (Ho) e esperada (He), número de alelos efetivos (N_{AE}), estatísticas F (F_{ST}, F_{IT} e F_{IS}) e a Análise de Coordenadas Principais (PCA) que explicam a diversidade genética entre populações.

Resultados e Discussão

Na Figura 1A, observa-se que os 19 locos foram polimórficos para os 12 pontos geográficos, e a variação alélica oscilou entre 2,82 e 6,27 alelos para os locos SW72 e S0068 respectivamente. A média de alelos por loco foi de 4,51 \pm 0,93, e o Na variou de 1,50 (SW2406) a 4,72 alelos por loco (S0068). O painel de locos analisados demonstrou um nível elevado de diversidade gênica ou heterozigotidade esperada (He), variando entre 0,30 (SW2406) e 0,76 (SW1517). Nesta análise foram retirados os Monteiros de Brasília que apresentaram maior diversidade genética (He = 0,72, Tabela 1). Quanto a Ho, 63,16% dos locos apresentaram valores superiores aos da He e, consequentemente, apresentaram valores de Fis negativos (Figura 1B). Estes locos também permitiram a identificação de vários alelos privados nos PG1 (13), PG2 (01), PG9 (01) e PG12 (03) que poderão ser úteis para esclarecer a divergência genética entre os Monteiros.

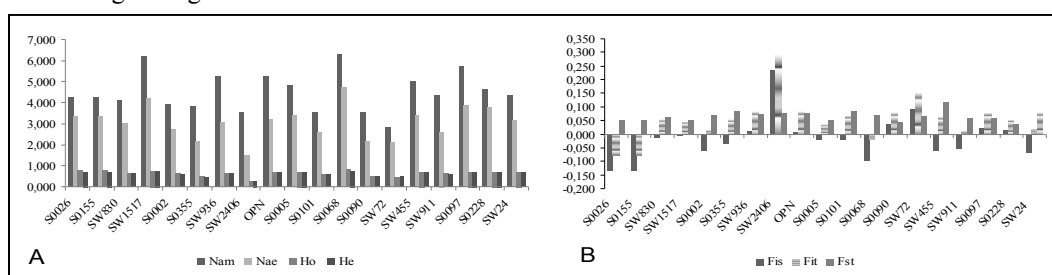


Figura 1. Distribuição das médias para número de alelos (Nam) e alelos efetivos (Nae), heterozigotidade observada (Ho) e esperada (He) (A) e estatísticas F por loco (B).

Na Tabela 1, os maiores valores para Na e He foram para o PG11 (Na = 6,21 \pm 0,39; 0,70 \pm 0,03), enquanto, o maior Nae foi para o grupo referência (MOB). Analisando a He dos monteiros no Pantanal, foi constatado que 72,72% dos grupos apresentaram valores superiores à média de 0,64 \pm 0,05. O índice de fixação (F) médio foi de -0,005 para os 12 PGs e de -0,018 para os 11 PGs do Pantanal. O MOB teve o maior valor para o índice de fixação (0,14) e o menor foi para o PG1 (-0,24). Dentre os 11 grupos do Pantanal, quatro apresentaram valores negativos para o F (PG1, PG5, PG6 e PG7), possivelmente, por excesso de heterozigotos verificado pela maior Ho, e o PG10 com alto valor positivo de F (0,10) refletiu um excesso de homozigotos, sugerindo que as frequências genotípicas observadas e esperadas não atenderam os pressupostos do Equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Tabela 1. Coordenadas geográficas, e os valores médios e desvios-padrão obtidos em cada população para os parâmetros: número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Nae), heterozigotidade observada (Ho) e esperada (He) e índice de fixação (F) para o painel de 19 locos de microssatélites.

Populações	Coordenadas geográficas		Parâmetros				
	Latitude S	Longitude W	Na	Nae	Ho	He	F
MOB(n=8)	-	-	5,37 \pm 0,34	3,87 \pm 0,28	0,62 \pm 0,05	0,72 \pm 0,02	0,14 \pm 0,06
PG1 (n=05)	19°23'05"	57°03'12"	3,47 \pm 0,21	2,61 \pm 0,15	0,73 \pm 0,04	0,59 \pm 0,02	-0,24 \pm 0,05
PG2 (n=11)	18°53'33"	56°40'0,8"	5,00 \pm 0,37	3,35 \pm 0,28	0,68 \pm 0,04	0,66 \pm 0,03	0,00 \pm 0,06
PG3 (n=16)	19°03'44"	56°54'4"	4,42 \pm 0,19	3,14 \pm 0,19	0,66 \pm 0,04	0,66 \pm 0,02	0,02 \pm 0,04
PG4 (n=17)	18°35'32"	56°42'37"	4,84 \pm 0,23	3,26 \pm 0,19	0,67 \pm 0,04	0,67 \pm 0,02	0,01 \pm 0,04
PG5 (n=26)	18°59'27"	56°45'47"	4,89 \pm 0,27	3,33 \pm 0,24	0,68 \pm 0,04	0,66 \pm 0,03	-0,02 \pm 0,04
PG6 (n=05)	18°54'24"	56°38'44"	3,63 \pm 0,33	2,88 \pm 0,23	0,63 \pm 0,05	0,60 \pm 0,04	-0,06 \pm 0,05
PG7 (n=10)	18°49'56"	56°55'46"	4,10 \pm 0,26	2,87 \pm 0,22	0,67 \pm 0,05	0,60 \pm 0,04	-0,13 \pm 0,04
PG8 (n=35)	19°05'51"	56°29'23"	5,16 \pm 0,32	3,27 \pm 0,25	0,63 \pm 0,04	0,65 \pm 0,03	0,03 \pm 0,02
PG9 (n=05)	18°49'50"	56°35'7"	3,47 \pm 0,19	2,65 \pm 0,17	0,59 \pm 0,05	0,59 \pm 0,03	0,01 \pm 0,07
PG10(n=15)	19°08'26"	56°35'35"	4,42 \pm 0,27	2,72 \pm 0,21	0,54 \pm 0,05	0,58 \pm 0,04	0,10 \pm 0,07
PG11 (n=36)	18°56'48"	56°48'33"	6,21 \pm 0,39	3,74 \pm 0,26	0,65 \pm 0,03	0,70 \pm 0,03	0,08 \pm 0,03
Média			4,58 \pm 0,83	3,14 \pm 0,41	0,64 \pm 0,05	0,64 \pm 0,05	-



Os padrões de diferenciação entre os 11 grupos de suínos monteiros estão apresentados por um diagrama multivariado de coordenadas principais (Figura 2). A população referência (MOB), geneticamente distante dos PGs do Pantanal, foi retirada desta análise para não enviesar os resultados. Os grupos PG1, PG4, PG6, PG7 e PG9 tenderam à diferenciação, baseado nas distâncias genéticas de Nei, enquanto nos demais houve compartilhamento de alelos e, portanto, não foi possível diferenciá-los. A análise gerou três coordenadas responsáveis por 64,9% da variação genética entre os grupos de monteiros do Pantanal. Os escores de cada grupo de PCA plotados dentro dos três eixos das coordenadas principais 1, 2 e 3 explicaram 24,62%, 23,08% e 17,2% do total da diversidade genética, respectivamente. A diferenciação do PG1 na CPA corrobora com a alta presença de alelos privados e sua distância geográfica entre os grupos. A diversidade genética obtida para os suínos monteiros do Pantanal, com o painel de microssatélites proposto, foi semelhante ao padrão de diversidade genética observado para suínos adaptados localmente no Brasil por Sollero et al. (2008) e Silva et al. (2011).

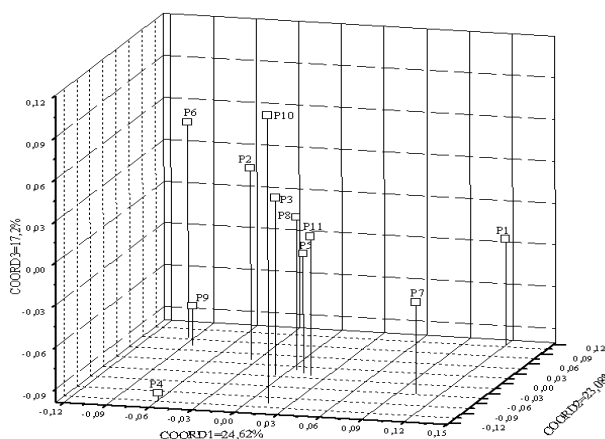


Figura 2. Análise de coordenadas Principais (CPA) dos suínos monteiros dos 11 pontos geográficos (P) do Pantanal.

Conclusões

O alto nível de diversidade genética ($He \geq 0,60$) observado nos oito grupos de suínos monteiros no Pantanal sugere que os mesmos têm potencial para conservação genética. A presença de alelos privados detectados nos animais do ponto geográficos um pode ser um indicativo de que o fluxo de genes é restrito de forma que estudos adicionais serão realizados.

Literatura citada

- BERG, E. E.; HAMRICK, J. L. Quantification of genetic diversity at allozyme loci. *Canadian J. Forest Research*, Ottawa, v. 27, n. 3, p. 415-424, 1997.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos de Genética da Conservação**. Ribeirão Preto, SP: SGB (Sociedade Brasileira de Genética), 2008, 280p.
- PEAKALL, R. O. D.; SMOUSE, P. E. GenAlex 6.4: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology*, Notes, v. 6, n.1, p. 288-295, 2006.
- SILVA, E. C. da; IANELLA, P.; DUTRA JR., W. M et al. Patterns of genetic diversity of local pig populations in the State of Pernambuco, Brazil. *R. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 40, n. 8, p. 1691-1699. 2011.
- SOLLERO, B. P.; PAIVA, S. R.; FARIA, D.A. et al. Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers. *Livestock Science*, v. 13, p.1-8, 2008.

^a Como citar este trabalho: Elizabete Cristina da Silva, Ubiratan Piovezan, Concepta Margaret McManus, Alexandre Rodrigues Caetano, Samuel Rezende Paiva. Diversidade genética de populações do suíno Monteiro (*Sus scrofa*) na região do Pantanal, MS, Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 49., 2012, Brasília. Anais... Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2012. (CD-ROM).